



```

OY 417 KOAAP--HKAEEVNSMLTGHILLGGLYLLVGLMYFWRHREIWIWISFIDSYELLE 474
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 458 -EGLPFYKIKNTGDFRYTGETLISVSGVYFFRGIOGFLQRPGLKSLFVDSYELLE 516
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 475 LQOALLTVSOVLCFLAIEWYLPVLVSLVGLNLVYTRGQFHGIGYSVMIOKYLND 534
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 517 EVOSLEMLVSVLYFQREYASVMSFLMGWNTNMLYTRGFOQMGIAVMEKMLND 576
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 535 LRFLLIYVLEFGFVAVLVLSQEAHREAPFNPATSVOPMEQDEGNGA----- 588
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 577 LCRFMVYVLEFGFSTAVVTLLED-----GKN---NSLPMESTPHKCRSACKPGN 625
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 589 QYRGILEASLEFKFTIGMGEALFQEOHLFRGVNLLLLAVVLYLLNMLIALMSET 648
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 626 SYNSLSTCLELFEKFTIGMDLEFTEYDFKAVFILLLAYVLYLLNMLIALMGET 685
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 649 VNSVATDSMSIMKLOKAISYLEMENGWMC-RKKORAGVWLTVGTGPDGSPDERMCFEVE 707
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 686 VNKIAOESKNIMKLOALITLIDTEKSFLLCMKRAFRSGKLLQVFTPDGKDDIRKCFEVD 745
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 708 EVNMAWMEOTLPTLCEDPSGA-GVPRYLENPVLASPPKEDDGASENVVYVOLLQ 762
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 746 EVWMTWMTNVTNGIINDPGNCGEVKRTLSFSLNSG----RVSGRMKNKFLVPLLR 797
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

RESULT 2
JC7531
C:Species: Homo sapiens (man)
C:Date: 31-Mar-2001 #sequence_revision 31-Mar-2001 #text_change 31-Mar-2001
C:Accession: JC7531
R:Peng, J.B.; Chen, X.; Berger, U.V.; Weremowicz, S.; Morton, C.C.; Vassiliev, P.M.; Brown
Biochem. Biophys. Res. Commun. 278, 326-332, 2000
A:Title: Human calcium transport protein Cat1.
A:Reference number: JC7531; MUID:20551480
A:Accession: JC7531
A:Molecule type: mRNA
A:Residues: 1-725 <PDB>
A:Cross-References: GB:AF304463
C:Comment: This protein, a member of a family of Ca2+ channels, has a role in cellular
line and kidney.
C:Genetics:
A:Gene: Cat1
A:Map position: 7q33-34
C:Keywords: calcium channel; calcium transport; intestine; kidney; transport protein; tr

```

```

Query Match 15.8%; Score 634; DB 3; Length 725;
Best Local Similarity 29.2%; Pred. No. 4, 1e-41;
Matches 187; Conservative 115; Mismatches 243; Indels 96; Gaps 20;

OY 98 LSKTSKYLTDSEYTESGTCTCMKAVLNLDGVNACILPLQIDRDSGNPQPLVNAOCT 157
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 61 LNKLLKYEDCKVHHRAMGEMTALHIA--LYDNLLEAAMVLM-----EAAPF-LVERPMT 111
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 158 DDYRHSALHAIIEKRSLOQCYKLVENGANYHARACGRFFQKGGTCYFEGELPSLAA 217
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 112 SELYEGOTLHIAVUNQNNMLVALLARRASVARSATGAFRRSPCNLYFGEHPLSFAA 171
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 218 CTRKQWVSYLLENPHQPSLQATDSQNTVLAHALVMIDNSKNENALVTSMTDGL--- 274
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 172 CUNSEEVILLIEH--GADIRADQSLGNTVHLITL-----QPNRTFACOMNLLSYD 223
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 275 QGARGLCPTVOLEDIRNLDLTPKLAKREGKIEFRHLLQREFSLSHRKFEWMCY 334
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 224 RIGDHLQP---LDLYPNHOGTLTPKLAGVEGNTVMFOHLMOK-----RKHDTWTYG 271
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 335 PYRVSLYDLASVDSG--EENSYLEIILAFHCKSPHRRMVVLEPLKLQAKWDL-IPKFF 392
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 272 PLTSLTYDLTIDSDSGDEGLLELI-ITTKKREARQIIDOTPKELVSLKMKRYGRPYFC 330
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 393 LNFCLNLIYMFITVAAYH---OPTLKQOAPHLKAEVGNM-----LTGHI 437
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

DB 331 MGAIYLYLIGTCMCCIVRPLKPRTNNTSPRDNTLQOOLQOEAHYMTPKDDIRLVGL 390
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 438 LILGGLYLLVGLQWLFWRHV--FTWISFIDSYPEILPLFOALLVNSOVCLFLAIEWY 495
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 391 VVYIGAILLLEVPDIFRMGVTFRFGQTIILGPFVNLITTAEMVLYMVMILISASE 450
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 496 LPLVSAVLGMLNLVYTRGFOHNGIYSVMIOKYLRLDRLFLLYLVLEFGFAVALVS 555
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 451 VVMSFALVGMCNVMYFARGFQMLGPFITMIOKMTFGDLMRCWMLMAVYLGFAAFYI 510
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 556 LQOEAHREAPFNPATSVOPMEQDEGNGAQQYIGILEASLELFEKFTIGMGEALFOEO 615
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 511 IFQ-----TEDEELGHFYDYPMALFSFEFL-LTITDGPANYND 550
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 616 LHRFGVLLLLAYVLYLLNMLIALMSETVNSVATDSMSIMKLOKAISYLEMENG 675
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 551 LRF--MYSTYAAFAIALIATLMLNLLIAMGDTHMVAAREDELMQAQIVATVLMERL 608
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 676 ---WV-----CRKKORAGVWLTVGTGPDGSPDERMCFEVE 708
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 609 PCLIMPRSGICGREYLG-----DRWFLRVED 635
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

RESULT 3
T33026
hypothetical protein T09A12.3 - Caenorhabditis elegans
C:Species: Caenorhabditis elegans
C:Date: 29-Oct-1999 #sequence_revision 29-Oct-1999 #text_change 29-Oct-1999
C:Accession: T33026
R:Hawkins, J.; Fulton, B.; Gilliam, B.
submitted to the EMBL Data Library, February 1998
A:Description: The sequence of C. elegans cosmid T09A12.
A:Reference number: 221265
A:Accession: T33026
A>Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ
A:Molecule type: DNA
A:Residues: 1-900 <HAN>
A:Cross-References: EMBL:AF047660; PIDN:AAC04431.1; GSPDB:GN00022; CESP:T09A12.3
A:Experimental source: strain Bristol N2; clone T09A12
C:Genetics:
A:Gene: CESP:T09A12.3
A:Map position: 4
A:introns: 43/2; 86/3; 260/2; 396/3; 424/2; 495/1; 517/3; 553/3; 691/3; 741/3; 780/3;

```

```

Query Match 10.3%; Score 414; DB 2; Length 900;
Best Local Similarity 24.2%; Pred. No. 6, 7e-24;
Matches 183; Conservative 113; Mismatches 253; Indels 206; Gaps 32;

OY 61 RKGTSQDPDPNRFDRLEFNAVSRGVPEDLAGLPEYLSKTSKYL-----TQSEYTE 112
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 98 KKGKGS--GPNVLD--FNOGEGENVGD-----LKKALKLLDGGGKGRNESKYRE 144
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 113 -----GSTGCTCMKAVLNLDGVNACILPLQIDRDSGNPQPLVNAOCTDIYRHH 164
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 145 ISMKLEERSMGETIIGCCLLHASDTHNALVLTIDY-----YPKLLNDIHISEDFY-GL 198
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 165 SALHTAIEKRSLOQCYKLVENGANYHARACGRFF--OKGGT----- 204
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 199 SPLHQAIINTDCKLYKFKILGADVNSRCYGAFECADDQKASRTDSLREHYELSLKTY 258
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 205 ---CFYEGELPLSLAATCKQWVSYLLENPHQPSLQATDSQNTVLAHALVMISDQSAEN 262
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 259 TGNMTYGEFPLSPFACLNQNPESFRLLAKRNP---NQDITNGNSVLIHNCVI-----HEN 310
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 263 IALVTSMTYDGLQOAGARLCPVOLEDIRNLDLTPKLAKREGKIEFRHLLQREFSGLS 322
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 311 MA-----MFKLALGEGAST-RTV-----NKQSLSPFLTAAKLAKKEMFDEILLEGDSV- 358
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
OY 323 HLSKRTKEMCYPRVSVSLDASVDSGEN-----SYLELIAFHKSPHRRMVVLEP 375
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
DB 359 -----MAYGDASSAVPLAKIDITINETTGELNEASALSIVYGGQVTEHLELDGL-- 408
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

[illegible]

RESULT 4  
 T20312  
 hypothetical protein F28H7.10 - *Caenorhabditis elegans*  
 C:Species: *Caenorhabditis elegans*  
 C:Date: 15-Oct-1999 #sequence\_revision 15-Oct-1999 #text\_change 29-Oct-1999  
 C:Accession: T20312; T21533  
 R:Matthews, P.  
 submitted to the EMBL Data Library, June 1996  
 A:Reference number: Z19255  
 A:Accession: T20312  
 A:Status: preliminary; translated from GR/EMBL/DBD  
 A:Molecule type: DNA  
 A:Residues: 1-790 <WIL>  
 A:Cross-references: EMBL:Z74030; PIDN:CAA98449.1; GSPDB:GN00023; CESP:F28H7.10  
 A:Experimental source: clone D1054  
 R:Berts, M.  
 submitted to the EMBL Data Library, May 1996  
 A:Reference number: Z19435  
 A:Accession: T21533  
 A:Status: preliminary; translated from GR/EMBL/DBD  
 A:Molecule type: DNA  
 A:Residues: 1-790 <WIL>  
 A:Cross-references: EMBL:Z72508; PIDN:CAA96644.1; GSPDB:GN00023; CESP:F28H7.10  
 A:Experimental source: clone F28H7  
 C:Genetics:  
 A:Gene: CESP:F28H7.10  
 A:Map position: 5  
 A:Introns: 46/2; 89/3; 129/1; 157/1; 201/1; 264/2; 349/3; 406/3; 487/3; 543/2; 580/1; 67

[illegible]

```

Db 195 VSEYUUGLSPHLIAIVNODQOFTSLLRIGADINQRCYAFPCADDOXASRIDSLEHEFV 254
QY 205 -----CFEFGELRSLAACKTQMDVSYLLENPHQASLOATDSOGNTVHALVM 254
Db 255 ELTKNTVYTGSMVEGEYFLFALICOMQHDFRMLLA---KKANLSAODPNGTALH-LCV 310
QY 255 ISDMSAENIALVYMSYDGLLOAGARLCPTVQLEDIRNLODLPRLKAAK-BGKLEIFPHI 313
Db 311 IHDR-----MDMLPAVLEAGANI-----RLANKONLTLATLAARLAKKTESIOLH 355
QY 314 LQREFSGLSH--LSRKPTFW-CYGPVRVSLYDLASDSEENSULEITAFHC----- 362
Db 356 --ELMDGLIDQILDEK--WKAVG-----RALMLRSGLGTFEYFCYCAVAML 398
QY 363 -----KSPHRHRMV-----LEPLNKLQAKMDLIPFELNLCNLYMFETFAVHQ 412
Db 399 RPSATTEHNLRGINDGETESTNSTNYLQNH-----IDTQCHLW---YSAMPYTH 449
QY 413 PTLKQAPHLKAEVNSMLTGHIIILLGGIYLLVGOLMYTRWRHVFIIWISFIDSFEI 472
Db 450 GMPF-----LGEIMTYIYMLFOILLDFGDIRRISFOKMF-----NFLKAPPAK 493
QY 473 LFLRQALLTVVSOYLCELAL---EWL---PLVSAVLGLGMLNLYYTRGQNHGISV 525
Db 494 LMEKGAFLFIISIPCLACSFHEPEFLIDNTMAIISILTVQHLYWRAIPFVGPVL 553
QY 526 MIOKVIILRDLRELLIYVLELFGFAVALYSLOEAWRPAEPGPATGESVOPMEGOEDEG 585
Db 554 MYVTIATFDLVRFAMISYIFLFGSOFPLIFTSGRDS-----TAKKIDPM----- 601
QY 586 NGAOYRGILE---ASLELKFETIIGMELAFDE---OLHFRGVALLLLAVALLYIL 636
Db 602 -GSEFNMINEMPDALLRTEIMTIGEFESVLYREMASCDFNMKWKIGKLFIVFETPVSIL 660
QY 637 LNLNLIAMSETVNSVATSDMSIMKLOKASYLEMENGYNMCKRQKORQAVMLYGTGRKDG 696
Db 661 QENLLIAMMTREYETFL--TRKEWKROMQOVIILMIEMGLSPASRKH---LLRYTRPG 715

```

```

RESULT      5
T37241
olfactory channel protein osm-9 - Caenorhabditis elegans
C:Species: Caenorhabditis elegans
C:Date: 03-Dec-1999 #sequence_revision 03-Dec-1999 #text_change 21-Jul-2000
C:Accession: T37241
R:Colbert, H.A.; Smith, T.L.; Bargmann, C.I.
J. Neurosci. 17, 8259-8269, 1997
A:Title: OSM-9, A novel protein with structural similarity to channels, is required f
A:Reference number: 221659; MUID:97477445
A:Accession: T37241
A:Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ
A:Molecule type: mRNA
A:Residues: 1-937 <COL>
A:Cross-references: EMBL:AF031408; NID:g2642589; PIDN:AAB87064.1; PID:g2642550
C:Genetics:
A:Gene: osm-9
A:Map position: IV
:Keywords: transmembrane protein

```

```
Query Match          9.1% Score 364; DB 2; Length 937;
Best Local Similarity 23.9%; Pred. No. 5.4e-20;
Matches 160; Conservative 101; Mismatches 254; Indels 154; Gaps 23.

QY      LSKTSKYLTDSEYTF-----GSTGKFTCLMKRAVLNLKGVNACITPLRLDIRDSCN 147
Db       || : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : |
103     LSESVDMQDSRFKHAYALMKNKRGEVEN-LIHLILNRQVCYEIARIL-LRFRFG- 159

QY      PQLPVNAOCTDDYYRGHSALHIAIEKRSLOCYKLVEGNANNAACGRFF----- 198
Db       ||| ||||| : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : |
160    ---MANDIYLDDEQRGGSGALHAIIVHDDEYFYSLLNSKADVNARAAGCFELPDPFKLTN 216

QY      199 --QKGQGTCFYEGGELLPSLAACTKWMDVVSYLEENPHORPASIQATDSDGNTVLHAALWMTS 256
```

```

Db 217 KITDYGYA-YGEYELAPACGGNKDIYDLIQFGANP-NIQ--DSFGTILHMCV--- 269
257 DNSAENIALVTSYDGLDAGARLCTVOLIEDIRNLODLPPLAKKEIEIEFHILOR 316
Db 270 -----INWSSMYSAVNRMAKPAD-----PHVYNAGFTPLPLATKLGKQIFEEML- 318
317 EFGSLHSRKFTEMWCGPVRSVLYDASVSC-----ENSVLEIITAFHCKSPHRR 369
Db 319 -----IMKVEFMRSMDTCSAYPLNTLDTIQPGSTNYDGLMTVI--NSTEPHLD 368
370 MYVLEPLNKLQAKMDLLPKFPLNLCNLITFT-FTAVAHQPLTKQAAPHLKAELVG 428
Db 369 MGSVEIORLLADKMAFAQORLIERLVLLIYOLILSIIVYIRPT-----ELPRLYMEDP 424
429 NSMLTGHILLILGGIYLLVGLWYFMRHRVFIWISFISYFELIFLFOALLV----- 482
Db 425 Q-----WDDYIRFACELTILINCIFVFGQOLG 452
483 -----VSQVLCFLAIEWYL-----PLVSALVILGMLN 510
Db 453 EIRTOGMRYLRNLKTPAKAVFCIANLFLLCIPRLMKHEIBALFVFPALPGSWIFL 512
511 LYTRGFQHTGITSVMIOVILDLRLILYLVLPFGAVA--LVLSQEAARRPAPRG 568
Db 513 LFFARSAKLTPGVOMIYSIMAGDMIRFAIISAFIVFSQVYFVFGKMDAKOKLEDIN 572
569 PNATSEVOIMEGDEGNGAQRGILEASILEFKFTIGELAFQOLHPRGVALLLL 628
Db 573 PHACR-----TYYTNTPEFTTLFRASMGVDEEFSANCALTKTLFVL 624
629 YVLLFTILLNMLALMSETVNSVATDSWSIMLKRA--ISVLEMENGYMCKKORAGV 686
Db 625 YMEVPMIMINILIAMGMTYTTVIAQAKAMRQYAOIVMLERSVG-----KERLAS 679
687 MLTVGTRPD 695
Db 680 OLEYSIRLD 688

```

```

RESULT 6
T24772
Hypothetical protein T10B10.7 - Caenorhabditis elegans
C:Species: Caenorhabditis elegans
C:Date: 15-Oct-1999 #sequence_revision 15-Oct-1999 #text_change 18-Feb-2000
C:Accession: T24772
R: Sims, M.
submitted to the EMBL Data Library, May 1996
A: Reference number: Z19934
A: Accession: T24772
A: Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ
A: Molecule type: DNA
A: Residues: 1-519 <WTL>
A: Cross-references: EMBL:Z72514; PIDN:CAA96679.1; GSPDB:GN00028; CESP:T10B10.7
A: Experimental source: clone T10B10
A: Gene: CESP:T10B10.7
A: Map position: X
A: Introns: 47/3; 139/1; 183/1; 215/2; 249/2; 385/3; 440/3

```

```

Query Match 6.5%; Score 261; DB 2; Length 519;
Best Local Similarity 31.2%; Pred. No. 2,4e-12;
Matches 90; Conservative 32; Mismatches 96; Indels 70; Gaps 12;

```

```

QY 157 TDDYR--GHSALHIAIERKSLQCYKLLVENGANVHARACGRPF-----OKGGT----- 204
Db 178 SEEYASVGLSPDLHAIYDELEMYFLCRKGADVHORCYGSEFCADQKASRTDSLEHE 237
QY 205 -----CFYFGEPLSLAACKTQWD--VVSYLENPHQPASIQADDSQNTVL 249
Db 238 WVDLYOSTKTYTQOMTWGEYPLISFACTNOVDCFRLLRAKKADPNMP-----DTNGNTVL 291

```

```

QY 250 HALVMISDNSAENIALVTSYDGLDAGARLCTVOLIEDIRNLODLPPLAKKEGIEI 309
Db 292 H-LTVIHD-----LPMFMILAVEGLANL-----HVRNNKLTPLALAAKLAKKH 335
QY 310 FRIHIOREFSGLSHSRKFTEMWCGPVRSVLYDASVSC-----NSVLEIITAFHC 362
Db 336 YDLILECDMD-----ISWRGYPVCKAYPLNDVDINSDGSLNDSVIANVYGD 386
QY 363 KSPHRRMVVLEPLNKLQAKMDLLPKFPLNLCNLITFTAVAY 410
Db 387 KYDHLFEPDGL--IEVLESKMETGCKQLFMSLAGYI--FLAVFY 429

```

```

RESULT 7
T19552
Hypothetical protein C29E6.2 - Caenorhabditis elegans
C:Species: Caenorhabditis elegans
C:Date: 15-Oct-1999 #sequence_revision 15-Oct-1999 #text_change 15-Oct-1999
C:Accession: T19552
R: Dobson, R.
submitted to the EMBL Data Library, May 1996
A: Reference number: Z19141
A: Accession: T19552
A: Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ
A: Molecule type: DNA
A: Residues: 1-1188 <WTL>
A: Cross-references: EMBL:Z72504; PIDN:CAA96603.1; GSPDB:GN00022; CESP:C29E6.2
A: Experimental source: clone C29E6
C: Genetics:
A: Gene: CESP:C29E6.2
A: Map position: 4
A: Introns: 147/2; 473/3; 500/1; 529/1; 584/2; 688/2; 839/3; 975/3; 1132/3

```

```

Query Match 5.2%; Score 209; DB 2; Length 1188;
Best Local Similarity 19.1%; Pred. No. 8.1e-08;
Matches 152; Conservative 110; Mismatches 242; Indels 290; Gaps 39;

```

```

QY 72 NRPDRR--LFNASRGVPEDLAGLPEYLSKTSKYLTDESEYTESGCKTLMKAVLNLK 128
Db 450 NNVDRODNTPMHIVASNGYLEMQLQKHGASITOVNEDE-----TALHRAIGVR 501
QY 129 DGVNACILPLOIDRDSGNPPLVNAOCTDDYRGHSALHIAIERKSLQCYKLLVENGAN 188
Db 502 QLEMDIRLLMKDE-----MGNSALHLAARSGHDAFTVLLDNGMD 543
QY 189 VVAR-----ACGRFPQK-----OGTCYFGEPLSLAA 217
Db 544 KEAKNSYOKTPLOVAVDSGLTQCLVAKGAQIESSSDTKTLVHTAIFYGNE----- 596
QY 218 CTKQMDVSYLLENPHQASLOATDSQNTVLHALVMISDNSAENIA--LVTSWYDGL 274
Db 597 -----SIVAFYA--EGYTTIRDBEGKT--ADDIACENHKKVAAAFLETDDKKMLM 645
QY 275 QAGARLCTVOLIEDIR--NIODLPPLKLAKEGIEIFRIHIOREFSGLSHSRKFTFW 331
Db 646 IP-----CDVITPLDKHRNPNMKRRTP-----FRILL-----TKFPE- 677
QY 332 CYGPVRSVLYDAS--VDS-----ENSVLEIITAFH----- 361
Db 678 -----LASEVPMNCIEKSEETDSTQSAVYNEFELDTYMMRVCSDGTGEQLI 726
QY 362 -CKSPH-----RHRNVVL-----EPLNK-LLOAKKMDLL 387
Db 727 GKSAVDEDEKLEKAAQSYASVDRVYKYHPLKMADEKHLNLNHPLSKALKTKMKNL 786
QY 388 -IPKFEFLNLCNLITFTAVAYHQPTL-----KQAAPLKAEVGN 430
Db 787 GRPMYFPALFMVLVEIVSLTQYVRHTKAPYNNWNESEYDSEFPEBENECPOINTTKPD- 845
QY 431 MLTGHILLILGGIYLLVGLWYFMRHRVFI--WISFISYFELIFLFO-ALLTVASOVL 487
Db 846 -VVMRIITQTLAVCOILVECFOLFQKFAVILVWENMID--CFIYSTALITVYDFSE 899

```







OY 588 AGRGILEASLEFETIGMELAFEOLEHFGMV-LILLAVILLTYLLMLTALMS 646  
 Db 274 ---LVLLQAVTK--ISTMIGEDANDIIDTNOWIPSLVLFETITVLLMLTMSLAV 328  
 OY 647 ETYV--NSVATDSWSIMKLOKALSVLEMENGY 675  
 Db 329 GDTYLTNMTAODKLIKVNFEVLEALQISEOF 360

## RESULT 14

T13940  
 ankyrin - fruit fly (Drosophila melanogaster)  
 C:Species: Drosophila melanogaster  
 C:Date: 20-Sep-1999 #sequence\_revision 20-Sep-1999 #text\_change 17-Nov-2000  
 C:Accession: T13940  
 R:Dubreuil, R.R.; Yu, J.  
 Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 91, 10285-10289, 1994  
 A:Title: Ankyrin and beta-spectrin accumulate independently of alpha-spectrin in Drosophila  
 A:Reference number: 217820; MUID:95024098  
 A:Accession: T13940  
 A:Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ  
 A:Molecule type: DNA  
 A:Residues: 1-1549 <DDB>  
 A:Cross-References: EMBL:L35601; NID:9557083; PID:9557084; PIDN:AMC37208.1  
 C:Genetics:  
 A:Cross-References: FlyBase:FBgn0011747

Query Match 3.9%; Score 157; DB 2; Length 1549;  
 Best Local Similarity 22.8%; Pred. No. 0.0013;  
 Matches 91; Conservative 61; Mismatches 134; Indels 114; Gaps 17;

OY 101 TSKYLYDSEYTESGTGCTMKAVLNKXGVNACIPLQIDBDSGNPQPIVNAOCTDQY 160  
 Db 363 TYDYLT-ALHVAACHGVAVAKILLDYKANPNRAL----- 397  
 OY 161 YRGHSALHAIERKSLQCYKLLVENCANVHARACGRF-----FGKGGTCFYF----- 208  
 Db 398 -NGFTPLHACKNRKRIKWEILLKHGANIGATGESGLTPLHVASFGCINIVYLLQHEA 456  
 OY 209 -----GELPLSLACRQMDVSYLLENPIQPSLOATDSQGTVLHVALMISDQNA 260  
 Db 457 SADLPTRIGETPLHARANQADIRILRS---AKVDIVREGQTPHVASRLG---- 508  
 OY 261 ENIALVTSMYDGLQAGARLCPTVOLEDIRNLODLPLKLAKEGKIEIFRHILQ----- 315  
 Db 509 -NINIIIML-----LLOHGAEI-----NQSNDRYSALHIAKEGQENIVQVILENGAEN 556  
 OY 316 -----REFSGLSHLSRKFTWCYGPVRSVLYDLASVDSCEENSYLEI-IAFHCKSPHRR 369  
 Db 557 NNVTKKGFPL-ILACKYGR--QNVQVILLONGASIDFQGNVDVPLHVAATHYNNPSIVE 613  
 OY 370 MVVLEPLNLLQAKMDLLPKFPLNLCMLYFIFTAVAYHQPTL-----KKQAP-HLK 424  
 Db 614 LILKNGSSPNLCAR---NGQCAIHIAKCKNYLEIAMOLLOHGAADVNIISKSGFSPHLA 669  
 OY 425 AEVGN-----SMLL-----TGHILI 439  
 Db 670 AOGGNVDVQVLLLEYGVISAANKGLTPLHVAAGESHVLY 709

## RESULT 15

T42714  
 ankyrin 3, splice form 2 - mouse  
 C:Species: Mus musculus (house mouse)  
 C:Date: 11-Jan-2000 #sequence\_revision 11-Jan-2000 #text\_change 04-Mar-2000  
 C:Accession: T42714  
 R:Peterson, L.L.; John, K.M.; Lu, F.M.; Eicher, E.M.; Higgins, A.; Yialamas, M.; Turtzo, I.  
 J. Cell Biol. 130, 313-330, 1995  
 A:Title: Ank3 (epithelial ankyrin), a widely distributed new member of the ankyrin gene  
 the repeat domain.  
 A:Reference number: 222237; MUID:95340633

A:Accession: T42714  
 A:Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DBJ  
 A:Molecule type: mRNA  
 A:Residues: 1-1765 <PER>  
 A:Cross-References: EMBL:L40632; NID:q710548; PID:q710551; PIDN:AAB01605.1  
 A:Experimental source: strain C57BL/6J; kidney  
 C:Genetics:  
 A:Gene: Ank3  
 A:Map position: 10  
 A:Introns: 1587/1  
 C:Superfamily: ankyrin; ankyrin repeat homology  
 C:Keywords: alternative splicing

Query Match 3.8%; Score 151; DB 2; Length 1765;  
 Best Local Similarity 27.7%; Pred. No. 0.0044;  
 Matches 78; Conservative 43; Mismatches 91; Indels 70; Gaps 14;

OY 162 RGHSAHIAIERKSLQCYKLLVENCANVHARACGRFQKGGTCFYFGLPLSLACRQ 221  
 Db 448 RGETALHMAARGQAEVVRVYIVODGAVQVAKA-----KDDQT-----PLHISARLGK 494  
 OY 222 KDVSYLLENPIQPSLOATDSQGTVLHVALMISDQNAENIALVTSWYDGLQAGARLC 281  
 Db 495 ADIVQQLDQ--QGASPNATTSQYTPHL--LAAREGHEVDAAF-----LLDHGASLS 542  
 OY 282 PTVOLEDIRNLODLPLKLAKEGKIEIFRHILQREFS---GLSHLSRKFTWCYGPVR 337  
 Db 543 ITTK-----KFTPLHVAARYGKLEVASLLQKASASPAAGKSGLT-----PLH 586  
 OY 338 VSLYDLASVDSCEENSYLEI-IAFHCKSPHRRMVVLEPLNLLQAKMDLLPKFPLNLC 397  
 Db 587 VAAH-----YDNQKVALLLDQGASPHAAKNGYTPHL--IAAK-----KNQMDIAT 631  
 OY 398 NLI-YMFTAVAYHQPTLKKQAAPHLKAQVGN-----SMLLT 434  
 Db 632 SLELYGADANAV-----TRQGIASVHLAAQEGHVDVMSLLS 668

Search completed: July 18, 2001, 15:59:29  
 Job time: 162 sec





**THIS PAGE BLANK (USPTO)**